

DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE ET STRUCTURE DE POPULATION DE *PHYTOPHTHORA MEGAKARYA*, L'AGENT CAUSAL DE LA POURRITURE BRUNE DES CABOSSES EN AFRIQUE CENTRALE ET OCCIDENTALE

C. N. Mfegue^{1,2}, C. Hamil², G. M. T. Hooper², M. Mbenoun¹, S. Nyassé¹, D. Tharreau², M. Ducamp²

¹ Centre de Recherche en Phytopathologie, Université de Yaoundé I, BP 1215, Yaoundé, Cameroun
² CIRAD, UR 108, BP 67, 34310 Montpellier Cedex 3, France

*Auteur correspondant : C.N. Mfegue

E-mail: mfeguec@cirad.fr ou mfeguec@univ-yaounde1.cm

RÉSUMÉ

Phytophthora megakarya est un pathogène agressif du cacaoyer. Comme le cacao a été introduit en Afrique relativement récemment et que *P. megakarya* est endémique sur ce continent, il est fait l'hypothèse que ce pathogène provient d'un « saut d'hôte ». Pour tester cette hypothèse, des études préliminaires sur la diversité et la structure du pathogène sont nécessaires. Douze nouveaux marqueurs microsatellites ont été mis au point pour une étude génétique des populations à grande échelle. Au total, 727 souches ont été génotypées, 651 collectées dans l'ensemble du Cameroun depuis 1982, et 76 souches d'autres pays (Sao Tomé, Gabon, Nigeria, Ghana et Côte d'Ivoire). Cent soixante génotypes multilocus, définissant 71 groupes clonaux, ont été identifiés dans l'ensemble de la population. De plus, tous les isolats, sauf trois étaient de type sexuel A1. Ces résultats, associés à de faibles valeurs Fis (indices Fstat), et à une fréquence élevée de déséquilibre de liaison dans 6 populations géographiques, suggèrent fortement un mode de reproduction asexuée. La déduction de la structure de population et l'affectation d'individus à des groupes ont été faites en utilisant des méthodes standard (analyse factorielle) ainsi que des approches bayésiennes (utilisant les logiciels Structure et Geneland). L'analyse factorielle a identifié 3 groupes génétiques distincts : un groupe diversifié en Afrique centrale (Cameroun, Gabon, Sao Tomé), un groupe homogène en Afrique de l'Ouest (Nigeria, Togo, Ghana, Côte d'Ivoire plus des souches du Sud du Cameroun), et un troisième groupe, composé de souches de la zone Fako au Cameroun, dans les contreforts du Mont Cameroun. Cette étude a fait ressortir la présence de 3 groupes génétiques différents au Cameroun et a confirmé, en utilisant un échantillon beaucoup plus important, les résultats antérieurs basés sur les isoenzymes et les marqueurs RAPD. L'analyse utilisant le logiciel Structure, a classé les individus dans 3 populations bien différenciées (F_{st} : 0,13 à 0,37). En utilisant le logiciel Geneland, qui prend en compte l'origine géographique des souches, les individus ont été classés dans 6 populations avec des niveaux de différenciation variables (F_{st} : 0,07 à 0,42). Une corrélation a été observée entre les groupes obtenus à partir de l'analyse factorielle et ceux obtenus avec Structure. Les deux méthodes ont révélé une grande diversité génétique dans la zone « Bipindi-Lolodorf », et la présence de clones spécifiques dans la zone Fako au Cameroun. Il est donc fait l'hypothèse qu'une de ces zones, Fako ou Bipindi-Lolodorf, pourrait être la zone d'origine de *P. megakarya*, et c'est une étape importante pour chercher un hôte primaire potentiel. De plus, il a été établi qu'un génotype était omniprésent et se diffusait dans les nouvelles plantations au Cameroun, alors que d'autres génotypes étaient limités à certains habitats. Ce résultat démontre l'adaptation à une grande diversité de conditions agroécologiques de ce génotype particulier.

Mots-clés : Maladie de la pourriture brune des cabosses, *P. megakarya*, marqueurs microsatellites, génétique des populations, clonal, structure.